

明細書

肝臓ガン特異的ポリペプチド、該ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、及び該ポリペプチドの発現を抑制する RNA 分子

5

技術分野

本発明は、新規な肝臓ガン特異的ポリペプチド、該ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、及び該ポリペプチドの発現を抑制する RNA 分子に関するものである。さらに詳細に述べると、ヒト原ガン遺伝子 Pim-3 にコードされている新規な肝臓ガン特異的ポリペプチド、その特異的な抗体、診断キット、該特異的ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、該ポリヌクレオチド、又は断片を含むベクター、形質転換体、及び該特異的ポリペプチドの発現を特異的に抑制し、肝臓ガンの治療に適用し得る RNA 分子に関するものである。

15

背景技術

肝臓ガンは、東南アジア、アフリカ、南ヨーロッパに多く見られるガンであって、ガンによる死因の第 8 位を占め、我国でも西日本を中心に発生率が高い。この肝臓ガンは、B 型又は C 型肝炎ウィルスの持続感染による慢性肝炎、肝硬変が主な原因と考えられている（非特許文献 1）。

この肝臓ガンの診断方法として、 α -フェトプロテイン (AFP) や PIVKA-II などの腫瘍マーカーを利用した血液検査、レントゲン、超音波検査、CT、MRI、血管造影などの画像診断などが行われている。しかし、 α -フェトプロテイン (AFP) などの腫瘍マーカーは、慢性肝炎や肝硬変があれば肝臓ガンがなくとも比較的高値を示すため、再検査や、画像診断の併用と経過観察が必要であり、さらに、原発性肝臓ガンが発生していても検出されないケースもある。また、画像診断では、ヒトによっては見にくかったり、死角が有ったりするため、複数の検査を組み合わせないと見落としが起きるなどの問題がある。このため、肝臓ガンに関し、さらに精度が高く、効率的な検査方法が必要とされている。

また、肝臓ガンの治疗方法として、手術による肝臓ガンの切除、マイクロウ

エーブ凝固法（MCT）、ラジオ波凝固法（RFA）、エタノール注入療法（PEIT）、肝動脈塞栓術、リザーバーを用いた肝動脈内抗癌剤投与による化学療法、放射線療法などが行われている。しかし、肝臓ガンの患者は、慢性肝炎や肝硬変などの慢性肝疾患を合併しているため肝機能が悪く治療法が制約されることが多く、手術ができないだけでなく、肝臓にかかる負担が小さい低侵襲の治療方法しか選択できない場合も少なくない。このため、肝機能が悪くとも適用できる負担の小さい治療方法が必要とされている。

近年、分子生物学、遺伝子工学の著しい進歩に伴い、各種のガンにおいて新しい腫瘍マーカ、抗体、また低分子干渉性 RNA（Small Interfering RNA: siRNA）が報告されており（特許文献 1 及び 2）、肝臓ガンに関しても同様の研究により、優れた診断方法及び治療方法の開発が望まれている。

（特許文献 1） 国際公開第 99/032619 号パンフレット

（特許文献 2） 国際公開第 01/075164 号パンフレット

（非特許文献 1） Geller, S. A. 2002. Hepatitis B and hepatitis C. Clin. Liver

15 Dis. 6: 317-334.

発明の開示

本発明は、肝臓ガンの新規な診断方法、診断薬、及び治療薬の開発につながる、新規な肝臓ガン特異的ポリペプチド、該ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、及び該ポリペプチドの発現を抑制する RNA 分子を提供することを目的とする。

肝臓ガンの原因と考えられている肝炎ウイルスの感染は、ウイルスの根絶と肝臓障害の両方に影響を与える、ウイルス抗原特異的な細胞溶解性 T リンパ球（CTL）を発生させる。さらに、CTL が関与する肝臓細胞の破壊と再生の循環は、肝臓ガンへと導く分裂誘発性と突然変異誘発性の環境を作り出すと考えられている。この仮定は、骨髓を除去した HBV 抗原（HBs）トランスジェニックマウス（HBsTg）が、HBs で免疫した同系の野生型マウスから骨髓細胞と脾臓細胞の移植を受けて 15 ヶ月目に、肝臓ガンに罹患していたことを報告した、Nakamoto らの報告により示されている（*1）。しかし、この肝癌発症の基礎をなす分子機構は未だ完全には調べられていない。

これまで、腫瘍の初期発生と悪性化は、様々な遺伝子の発現と構造の変化が蓄積された結果であることを示唆する証拠が相次いで報告されている。HBsTg の肝臓ガンモデルにおいても、症状の長期に渡る潜伏が、これと同じような複合的変化の存在を示唆している。遺伝子発現において、ゲノムの広範囲な変化を明らかにするために、肝臓ガンを含む様々なタイプの腫瘍でトランスクリプトーム解析が行われている。ほとんどの肝臓ガン研究において、遺伝子発現様式は、同一患者由来の肝臓の腫瘍部位と非腫瘍部位とで比較されてきた。しかし、正常組織に比べると、この非腫瘍部位においても複合的変化が予想されるため、このタイプの解析は、腫瘍部位と正常組織ではない非腫瘍部位に共通するのいくつかの遺伝子発現の変化を検出できていない可能性があった。移植後 15 ヶ月目において、HBsTg の肝臓内では、肝細胞の形成異常が確認できた非腫瘍部位と、腫瘍部位とが混在して存在していた。そのため、この非腫瘍部位を前癌状態の病変とし、正常組織と蛍光ディファレンシャルディスプレー (FDD) を用いて遺伝子発現様式の比較をした。

すなわち、本発明者らは、HBsTg の肝臓ガンモデルにおいて、前癌状態の病変で発現していた、いくつかの遺伝子を同定し、この中で、これまで肝臓における発現とヒトホモログが報告されていない原ガン遺伝子について研究を行った。その結果、Pim-3 遺伝子がヒト肝臓ガン特異的タンパク質をコードするという知見を得て、そのポリペプチドのアミノ酸配列、及び DNA のポリヌクレオチド配列を決定し、さらにその性質の研究を行い、本発明を完成したのである。

したがって、本発明は、配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチド、並びに配列番号 1 のアミノ酸配列に対し、少なくとも 80% の相同性を有し；配列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296 又は 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列を有し；かつ前記ポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有するポリペプチドを提供する。該ポリペプチドは単離されたものを含む。

さらに本発明は、配列番号1のアミノ酸配列の部分配列；又は配列番号1のアミノ酸配列に対し、少なくとも80%の相同性を有し、かつ配列番号1のアミノ酸配列に対応して、少なくともN-末端から39、84、296又は300番目のアミノ酸残基がAla、85番目のアミノ酸残基がThr、163又は333番目のアミノ酸残基がSer、195又は257番目のアミノ酸残基がLeu、271番目のアミノ酸残基がArg、297番目のアミノ酸残基がAsp、313番目のアミノ酸残基がPro、又は316番目のアミノ酸残基がValであるアミノ酸配列の部分配列を有し；かつ前記ポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド断片を提供する。該ポリペプチド断片は単離されたものを含む。

また、本発明は、前記ポリペプチド、又は前記ポリペプチド断片からなる群から選ばれる少なくとも1を含む、配列番号1のアミノ酸配列を含むポリペプチドに特異的な抗体の製造用組成物を提供する。

また、本発明は、前記組成物を、哺乳類に投与することを含む、配列番号1のアミノ酸配列を含むポリペプチドに特異的な抗体の製造方法を提供する。

また、本発明は、配列番号1のアミノ酸配列を含むポリペプチドに特異的な抗体を含む、肝臓ガン、又は肝臓前ガン状態診断用キットを提供する。

さらに、本発明は、配列番号1のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、さらに配列番号1のアミノ酸配列に対し、少なくとも80%の相同性を有し；配列番号1のアミノ酸配列に対応して、少なくともN-末端から39、84、296、又は300番目のアミノ酸残基がAla、85番目のアミノ酸残基がThr、163又は333番目のアミノ酸残基がSer、195又は257番目のアミノ酸残基がLeu、271番目のアミノ酸残基がArg、297番目のアミノ酸残基がAsp、313番目のアミノ酸残基がPro、又は316番目のアミノ酸残基がValであるアミノ酸配列を有し；かつ前記ポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを提供する。

また本発明は、配列番号1のアミノ酸配列の部分配列；又は配列番号1のアミノ酸配列に対し、少なくとも80%の相同性を有し、かつ配列番号1のアミノ酸配列に対応して、少なくともN-末端から39、84、296、又は300番目のアミノ酸残基がAla、85番目のアミノ酸残基がThr、163又は333番目のアミノ酸残基がSer、195又は257番目のアミノ酸残基がLeu、271番目のアミノ酸残基が

Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列の部分配列を有し；かつ配列番号 1 のアミノ酸配列を有するポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド断片をコードするポリヌクレオチドを提供する。

5 また本発明は、配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列を含む、ポリヌクレオチドを提供する。本発明のこれらポリヌクレオチドは単離されたもののを含む。

また、本発明は前記ポリヌクレオチドを含むベクター、及び該ベクターで形質転換された宿主細胞を提供する。

10 さらに本発明は、配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列の部分配列に対応するヌクレオチド配列、又は該ヌクレオチド配列において、少なくとも 1 塩基が付加、欠失、又は置換された変異ヌクレオチド配列からなり、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する、ヌクレオチド対が 15～25 の RNA 分子を提供する。

15 また本発明は、配列番号 3 のヌクレオチド配列からなる RNA 分子、又は配列番号 3 の配列において、少なくとも 1 塩基が付加、欠失、又は置換された変異ヌクレオチド配列からなり、かつ、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する RNA 分子を提供する。

また本発明は、前記 RNA 分子を含む、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する医薬組成物を提供する。

また本発明は、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質、又はその変異タンパク質を発現する細胞に、前記 RNA 分子を導入すること、該 RNA 分子により RNA 干渉が生じる条件下に前記細胞を維持し、該特異的タンパク質、又はその変異タンパク質をコードする遺伝子から転写された mRNA を分解させることを含む、ノックアウト細胞の製造方法を提供する。

また本発明は、前記 RNA 分子を含む、ヒト肝臓ガン特異的タンパク質の機能解析用キットを提供する。

本発明により、ヒト原ガン遺伝子 Pim-3 にコードされている新規な肝臓ガン特異的ポリペプチド、その特異的な抗体、該特異的ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、及び該特異的ポリペプチドの発現を特異的に抑制し、肝臓

ガンの治療に適用し得る siRNA が提供され、その結果、新規な肝臓ガンの診断方法、診断試薬、及び肝臓ガンの治疗方法を開発することが可能になった。

図面の簡単な説明

- 5 図 1 は、HBsTg マウスにおける Pim-3 発現レベルを示すグラフである。
- 図 2 は、hPim-3 のポリヌクレオチド配列、及び対応するポリペプチド配列を示す。
- 図 3 は、ヒト、マウス及びラットの Pim-3 のアミノ酸配列を比較した図である。
- 10 図 4 は、ヒト Pim-1、Pim-2 及び Pim-3 のアミノ酸配列を比較した図である。
- 図 5 は、ヒト正常組織における hPim-3 と GAPDH の mRNA の発現を示す図である。
- 図 6 は、ヒト肝臓ガン細胞株におけるヒト Pim-3 mRNA の発現を示す図である。
- 15 図 7 は、ヒト肝ガン組織における hPim-3 の発現を特異的示す図である。
- 図 8 は、hPim-3 の siRNA をトランスフェクションした場合における、ヒト肝臓ガン細胞の生存活性の減少を示すグラフである。
- 図 9 は、hPim-3 の siRNA トランスフェクション 4 日目以降に、その処理群で細胞が剥がれ始めたことを示す図である。
- 20 図 10 は、Pim-3 の siRNA を導入したヒト肝臓ガン細胞における細胞周期の変化を示すグラフである。

発明を実施するための最良の形態

- 本発明の肝臓ガン特異的ポリペプチドは、配列番号 1 のアミノ酸配列を有するポリペプチドであり、本発明のポリペプチドは、さらに該ポリペプチドと共に抗原性を有するホモログ（ポリペプチド）、又はこれらと共に抗原性を有するペプチド断片を含む。本発明のポリペプチドを検出することにより、肝臓ガンの診断を行うことができ、また、本発明のポリペプチド、そのホモログ、及び該ポリペプチド断片は、肝臓ガン診断用、及び治療用抗体の作製に有用である。本発明の特異的ポリペプチドの発見、及び単離の工程は、後述する実施

例で詳細に説明されている。

本明細書における「ポリペプチド」という用語は、アミノ酸配列の一次構造、該一次構造のポリペプチド断片、立体構造を伴う生物活性を有するポリペプチド、又はタンパク質を意味する。

5 本明細書における「ホモログ」という用語は、特定のアミノ酸配列を有するポリペプチド、又はタンパク質と、アミノ酸配列が相同性を有し、かつ共通の生物活性又は抗原性を有するポリペプチドをいう。

本発明における「siRNA」という用語は、特定の遺伝子の発現を抑制する短 RNA 断片、又は該 RNA 断片とその相補鎖からなる二本鎖 RNA 分子を意味する。

10 図 3 に示すように、本発明の肝臓ガン特異的ポリペプチドである、ヒト Pim-3 タンパク質は、ラット、及びマウス Pim-3 タンパク質と比較し、そのアミノ酸配列（配列番号：1）において、次の特徴的な相違点がある。すなわち、配列番号 1 のアミノ酸配列は、ラット、及びマウスと比較し、N-末端から 39、84、296、及び 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 及び 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 及び 257 番目のアミノ酸残基が Leu、
15 271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、及び 316 番目のアミノ酸残基が Val である点で相違するのである。

したがって、本発明のポリペプチドホモログは、配列番号 1 のアミノ酸配列 20 に対し、少なくとも 80% の相同性を有し；配列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296、又は 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列を有し；かつ配列番号 1 のアミノ酸配列を有するポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド 25 である。なお、該ホモログの相同性は、特に 90%、好ましくは 95%、特に好ましくは 97% である。

また、本発明の特異的ポリペプチドのペプチド断片は、配列番号 1 のアミノ酸配列の部分配列；又は配列番号 1 のアミノ酸配列に対し、少なくとも 80% の

相同性を有し、かつ配列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296、又は 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、

5 313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列の部分配列を有し；かつ配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド断片である。

本明細書におけるアミノ酸配列の相同性とは、一線上に並べた場合における、基準となるアミノ酸配列と比較されるアミノ酸配列との同一性（%）をいう。

10 該相同性は、塩基配列やアミノ酸配列の相同性検索を行うための標準のプログラムである、BLAST (J. Mol. Biol., 215, 403 (1990)) や FASTA (Methods in Enzymology, 183, 63-69) 等の解析ソフトで、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いて計算することができる。

本明細書において、ポリヌクレオチド、該ホモログ及び該ポリペプチドの断片（以下、必要な場合はポリヌクレオチド等と略す。）は、標準的標記法に従い、左端が N-末端（アミノ末端）、右端が C-末端（カルボキシル末端）である。本発明のポリペプチド等は、C-末端がカルボキシル基 (-COOH)、カルボキシレート(-COO-)、アミド (-CONH₂) 又はエステル (-COOR) とすることもできる。このエステルの側鎖 R の例を挙げると、例えば、メチル、エチル、n-プロピル、イソプロピル、n-ブチルなどの C1-6 アルキル基、シクロヘキシルなどの C3-8 シクロアルキル基、フェニル、α-ナフチルなどの C6-12 アリール基、ベンジル、フェネチルなどのフェニル-C1-2 アルキル基、又は α-ナフチルメチルなどの α-ナフチル-C1-2 アルキル基などのアルキル基などがある。

また、本発明のポリペプチド等は、N-末端のアミノ酸残基のアミノ基が、ホルミル基、アセチル基などの保護基、生体内で切断されて生成する N-末端のグルタミン残基がピログルタミン酸化したもの、分子内のアミノ酸の側鎖上の置換基（例えば-OH、-SH、アミノ基、イミダゾール基、インドール基、グアニジノ基など）が適当な保護基で保護されたもの、又は糖鎖が結合したいわゆる糖タンパク質などの複合タンパク質なども含まれる。

また、本発明のペプチド断片は、配列番号1のアミノ酸配列を有するポリペプチドに対する抗体産生を誘導するものであれば、特に限定されるものではないが、前記ポリペプチド、及びそのホモログ部分ペプチドであって、これらの20個～200個、好ましいくは20個～100個、さらに好ましくは20～70個のアミノ酸配列を有するものである。

また、本発明のポリペプチド等は、生理学的に許容し得る無機又は有機酸付加塩として用いることができる。該無機酸付加塩の例を挙げると、塩酸、リン酸、臭化水素酸、及び硫酸の塩があり、また有機酸付加塩の例を挙げると、酢酸、ギ酸、プロピオン酸、フマル酸、マレイン酸、コハク酸、酒石酸、クエン酸、リンゴ酸、蔥酸、安息香酸、メタンスルホン酸、及びベンゼンスルホン酸などの塩がある。

本発明の配列番号1のアミノ酸配列を有するポリペプチドに特異的な抗体の製造に用いる組成物は、前記ポリペプチド、そのホモログ、これらのペプチド断片、又はこれらの酸付加塩を含むものである。また、必要に応じて、該組成物はベヒクル、希釈剤、アジュバントなどの成分を含んでいてもよい。

本発明の抗体は、配列番号1のアミノ酸配列を有するポリペプチド、又はそのペプチド断片に特異的に反応する抗体であり、ポリクローナル抗体、又はモノクローナル抗体のいずれであってもよい。

本発明のモノクローナル抗体は、次の方法で製造することができる。まず、前記抗体製造用組成物を非ヒト哺乳動物に投与する。抗体産生能を高めるため、完全フロイントアジュバントや不完全フロイントアジュバントを投与してもよい。投与は通常2～6週毎に1回ずつ、計2～10回程度行う。該非ヒト哺乳動物の例を挙げると、サル、ウサギ、イヌ、モルモット、マウス、ラット、ヒツジ、ヤギ、及びニワトリがあり、一般に好ましいのはマウス、又はラットである。

前記抗原で免疫した非ヒト哺乳動物から抗体産生が認められた個体を選択し、最終免疫の2～5日後に脾臓、又はリンパ節に含まれる抗体産生細胞採取し、同種、又は異種動物の骨髄腫細胞と融合させることにより、モノクローナル抗体産生ハイブリドーマを作製する。抗血清中の抗体価の測定は、標識化タンパク質と抗血清とを反応させ、抗体に結合した標識剤の活性を測定することにより行う。また細胞融合は、ケーラーとミルスタインの方法 (Nature, 256, 495, 1975)

などの常法で行うことができる。融合促進剤として、例えば、ポリエチレンジリコール(PEG)やセンダイウイルスなどを用いることができる。

また、骨髄腫細胞の例を挙げると、NS-1, P3U1, SP2/O, 及び AP-1などの非ヒト哺乳動物の骨髄腫細胞があり、特に P3U1 が好ましい。融合に用いる抗体産生細胞(脾臓細胞)数と骨髄腫細胞数との好ましい比率は 1 : 1~20 程度であり、PEG、好ましくは PEG1000~PEG6000 を 10~80% 度の濃度で添加し、20~40°C、好ましくは 30~37°C で 1~10 分間インキュベートすることにより細胞融合を実施できる。

モノクローナル抗体産生ハイブリドーマのスクリーニングは、種々の方法で行うことができる。例えば、抗原を直接、又は担体とともに吸着させた固相(例えば、マイクロプレート)と、ハイブリドーマ培養上清を接触させ、次に放射性物質や酵素などで標識した抗免疫グロブリン抗体を含む溶液を接触させ、固相に結合したモノクローナル抗体を検出する方法、抗免疫グロブリン抗体などを吸着させた固相にハイブリドーマ培養上清を接触させ、次いで放射性物質や酵素などで標識したタンパク質の溶液と接触させ、固相に結合したモノクローナル抗体を検出する方法などがある。

モノクローナル抗体を産生するハイブリドーマの選別は常法で行うことができる。例えば、HAT(ヒポキサンチン、アミノブテリン、チミジン)を添加した動物細胞用培地に、10~20%の牛胎児血清を含む RPMI1640 培地、1~10%の牛胎児血清を含む GIT 培地(和光純薬工業(株))、又はハイブリドーマ培養用無血清培地(SFM-101、日水製薬(株))などを用いることができる。培養温度は 20~40°C、培養時間は、通常 5 日~3 週間で、培養は、通常 5 %炭酸ガス存在下で行う。ハイブリドーマ培養上清の抗体価は、上記の抗血清中の抗体価の測定と同様にして測定できる。

また、得られたモノクローナル抗体の分離精製は、塩析法、アルコール沈殿法、等電点沈殿法、及び電気泳動法などの免疫グロブリンの分離精製法、イオン交換体(DEAE)による吸脱着法、超遠心法、ゲルろ過法、抗原結合固相、又はプロテインA活性吸着剤により抗体のみを採取し、結合を解離させて抗体を得る特異的精製法などの常法で行うことができる。

また、本発明のポリクローナル抗体は、免疫抗原である前記ポリペプチド等、又は該そのペプチド断片とキャリアータンパク質との複合体で、非ヒト哺乳動物を免疫し、その後、血清などの抗体含有成分を採取して、抗体の分離精製を行うことにより製造することができる。

5 該免疫抗原とキャリアータンパク質との混合比は、キャリアーに架橋させて免疫したハプテンに対して抗体が効率よく產生されるように決定する。例えば、ウシ血清アルブミンやウシサイログロブリン、ヘモシアニン等を重量比でハプテン1に対し、約0.1～20、好ましくは約1～5の割合で用いることができる。また、ハプテンとキャリアーのカップリングには、グルタルアルデヒドやカルボジイミド、マレイイミド活性エステル、チオール基、ジチオビリジル基を含有する活性エステル試薬等を用いることができる。

10 該複合体抗原は、単独で、又は担体、希釈剤、さらに抗体產生能を高めるため、完全フロイントアジュバントや不完全フロイントアジュバントとともに投与してもよい。投与は、通常約2～6週毎に1回ずつ、計約3～10回行う。該ポリクローナル抗体は、免疫された哺乳動物の血液、腹水、卵黄などから採取する。抗血清中のポリクローナル抗体価の測定は、上記の抗血清中の抗体価の測定と同様にして測定できる。また、ポリクローナル抗体の分離精製は、前記モノクローナル抗体の分離精製と同様に行うことができる。

15 本発明の肝臓ガン、又は肝臓前ガン状態診断用キットは、このようにして得られたポリクローナル、又はモノクローナル抗体を含む。また、該診断用キットは、必要に応じて、免疫反応用ウェル、染色剤、検出用の酵素標識抗体、洗浄液、抗体希釈液、検体希釈液、酵素基質、酵素基質液希釈液、その他の試薬を含むものである。

20 本発明のポリヌクレオチドは、配列番号1のアミノ酸配列を有するポリペプチド、該ポリペプチドと共に抗原性を有するホモログ（ポリペプチド）、又はこれらと共に抗原性を有するペプチド断片をコードする、ポリヌクレオチドである。特に、配列番号2の第436～第1413のヌクレオチド配列を含む、ポリヌクレオチドが好ましい。

25 本発明のポリヌクレオチドは、DNA、及びRNAのいずれであってもよい。該DNAは、ゲノムDNA、ゲノムDNAライブラリー、前記肝臓ガン細胞又は組

織由来の cDNA、合成 DNA のいずれの形態であってもよい。また該ライプラリーに使用するベクターは、バクテリオファージ、プラスミド、コスミド、又はファージミドなどである。また、前記肝臓ガン細胞又は組織から調製した全 RNA、又は mRNA 画分を用いて直接、RT-PCR 法によって増幅したものでもよい。

また、本発明のポリヌクレオチドは、配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列を含むポリヌクレオチド、又は該ポリヌクレオチドと相補的なポリヌクレオチドと、ストリンジエントな条件下でハイブリダイズし、かつ配列番号 1 のアミノ酸配列を有するポリペプチドに抗原性を有するポリペプチドをコードするポリヌクレオチドを含む。

該ハイブリダイゼーションは、例えば、モレキュラー・クローニング (Molecular Cloning) 第 2 版 (J. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989) などに記載された常法で行うことができる。また、該ストリンジエントな条件とは、例えば、ナトリウム濃度が約 19～40mM、好ましくは約 19～20mM で、温度が約 50～70°C、好ましくは約 60～65°C の条件をいう。

また、本発明のポリペプチドをコードする DNA は、本発明のポリペプチドをコードする塩基配列の一部分を有する合成 DNA プライマーを用いて PCR 法によって増幅するか、または適当なベクターに組み込んだ DNA を本発明のポリペプチドの一部、又は全領域をコードする DNA 断片もしくは合成 DNA を用いて標識したものとのハイブリダイゼーションによって選別することができる。該ハイブリダイゼーションの方法は、例えば、モレキュラー・クローニング (Molecular Cloning) 第 2 版 (J. Sambrook et al., Cold Spring Harbor Lab. Press, 1989) に記載の方法などで行うことができる。得られた DNA は、目的に応じて、そのまま、又は制限酵素で消化したり、リンカーを付加して使用することができる。該 DNA はその 5'-末端側に翻訳開始コドンとしての ATG を付加し、また 3'-末端側には翻訳終止コドンとしての TAA、TGA、又は TAG を付加してもよい。これらの翻訳開始コドンや翻訳終止コドンは、適当な合成 DNA アダプターを用いて付加することもできる。

なお、ここで用いるプライマーには、配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチドに対応する、又はそれに相補的なポ

リヌクレオチドに対応する、それに少なくとも 15 ヌクレオチドを含む PCR 用プライマーがある。

また、これらのプライマーを用いて、配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチドを検出するキットを作製することができる。
5

本発明のポリペプチドの発現ベクターは、本発明のポリペプチドをコードする DNA から目的とする DNA 断片を切り出し、該 DNA 断片を適當なベクター中のプロモーターの下流に連結することで製造することができる。

ここで用いるベクターには、大腸菌由来のプラスミド（例、pBR322、pBR325、
10 pUC12、pUC13）、枯草菌由来のプラスミド（例、pUB110、pTP5、pC194）、酵母由来プラスミド（例、pSH19、pSH15）、 λ ファージなどのバクテリオファージ、レトロウイルス、ワクシニアウイルス、バキュロウイルスなどの動物ウイルス、pA1-11、pXT1、pRc/CMV、pRc/RSV、pcDNA1/Neo などがある。

本発明で用いるプロモーターは、使用する宿主に対応した適切なプロモーターであればいかなるものでもよい。例えば、動物細胞を宿主として用いる場合は、SR α プロモーター、SV40 プロモーター、LTR プロモーター、CMV プロモーター、HSV-TK プロモーターなどがある。該宿主がエシェリヒア属菌である場合は、trp プロモーター、lac プロモーター、recA プロモーター、 λ PL プロモーター、lpp プロモーター、T7 プロモーターなどがあり、該宿主がバチルス属菌である場合は、SPO1 プロモーター、SPO2 プロモーター、penP プロモーターなど、該宿主が酵母である場合は、PHO5 プロモーター、PGK プロモーター、GAP プロモーター、ADH プロモーターなどがあり、さらに該宿主が昆虫細胞である場合は、ポリヘドリンプロモーター、P10 プロモーターなどである。
15
20

本発明の発現ベクターには、さらに所望によりエンハンサー、スプライシングシグナル、ポリ A 付加シグナル、選択マーカー、SV40 複製オリジンなどを含むものを用いることができる。該選択マーカーとしては、例えば、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子、アンピシリン耐性遺伝子、ネオマイシン耐性遺伝子などがある。また、必要に応じて、宿主に適したシグナル配列を、本発明のポリペプチドの N-端末側に付加する。該宿主がエシェリヒア属菌である場合は、PhoA
25 シグナル配列、OmpA シグナル配列などが、該宿主がバチルス属菌である場合
30

は、 α -アミラーゼシグナル配列、サブチリシンシグナル配列などが、該宿主が酵母である場合は、MF α シグナル配列、SUC2・シグナル配列などが、該宿主が動物細胞である場合には、インシュリンシグナル配列、 α -インターフェロンシグナル配列、抗体分子シグナル配列などを利用できる。このように構築した
5 本発明のポリペプチドをコードする DNA を含有するベクターを用いて、形質転換体を製造することができる。

本発明で用いる宿主には、例えば、エシェリヒア属菌、バチルス属菌、酵母、昆虫細胞、昆虫、及び動物細胞などがある。

該バチルス属菌を形質転換するには、例えば、モレキュラー・アンド・ジェ
10 ネラル・ジェネティックス (Molecular & General Genetics)、168巻、111 (1979)
などに記載の方法がある。酵母を形質転換するには、例えば、メソッズ・イン・
エンザイモロジー (Methods in Enzymology)、194巻、182-187 (1991)、プロシ
ージングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシズ・オ
ブ・ザ・ユースエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA)、75巻、1929 (1978) など
15 の方法がある。昆虫細胞又は昆虫を形質転換するには、例えば、バイオ/テク
ノロジー (Bio/Technology)、6、47-55 (1988) などに記載の方法がある。また、
動物細胞を形質転換するには、例えば、細胞工学別冊 8 新細胞工学実験プロト
コール、263-267 (1995) (秀潤社発行)、ヴィロロジー (Virology)、52巻、456
20 (1973) に記載の方法がある。このようにして、本発明のポリペプチドをコー
ドする DNA を含有する発現ベクターで形質転換された形質転換体を作製する
ことができる。

該宿主がエシェリヒア属菌、バチルス属菌である形質転換体を培養する際、
培養に使用される培地としては液体培地が適当であり、その中には該形質転換
25 体の生育に必要な炭素源、窒素源、無機物その他が含まれている。ここで炭
素源としては、例えば、グルコース、デキストリン、可溶性澱粉、ショ糖など、
窒素源としては、例えば、アンモニウム塩類、硝酸塩類、コーンスチーピリカ
ー、ペプトン、カゼイン、肉エキス、大豆粕、バレイショ抽出液など、また無
機栄養分としては、例えば、塩化カルシウム、リン酸二水素ナトリウム、塩化
マグネシウムなどある。また、酵母エキス、ビタミン類、生長促進因子などを
30 添加してもよい。培地の pH は約 5~8 が望ましい。

エシェリヒア属菌を培養する培地としては、例えば、グルコース、カザミノ酸を含む M9 培地 [ミラー (Miller), ジャーナル・オブ・エクスペリメンツ・イン・モレキュラー・ジェネティックス (Journal of Experiments in Molecular Genetics)、431-433、Cold Spring Harbor Laboratory, New York 1972] が好ましい。

5 また、プロモーターを効率よく働かせるために、例えば、 3β -インドリルアクリル酸のような薬剤を加えることができる。宿主がエシェリヒア属菌の場合、培養は通常約 15~43°Cで約 3~24 時間行ない、必要により、通気や攪拌を加えることもできる。宿主がバチルス属菌の場合、培養は通常約 30~40°Cで約 .6~24 時間行ない、必要により通気や攪拌を加えることもできる。

10 宿主が酵母である形質転換体を培養する培地としては、例えば、バークホルダー (Burkholder) 最小培地 [Bostian, K. L. ら、プロシージングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシズ・オブ・ザ・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA)、77 卷、4505 (1980)] や 0.5%カザミノ酸を含有する SD 培地 [Bitter, G. A. ら、プロシージングズ・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンシズ・オブ・ザ・ユーエスエー (Proc. Natl. Acad. Sci. USA)、81 卷、5330 (1984)] がある。該培地の pH は約 5~8 に調整するのが好ましい。培養は通常約 20~35°Cで約 24~72 時間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。

20 宿主が昆虫細胞である形質転換体を培養する場合、グレイスインセクト培地 (Grace's Insect Medium: Grace, T. C. C., Nature, 195, 788 (1962)) に非動化した 10%ウシ血清等の添加物を加えた倍地などを用いる。該培地の pH は約 6.2~6.4 に調整するのが好ましい。培養は通常約 27°Cで約 3~5 日間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。

25 また、宿主が動物細胞である形質転換体を培養する場合、培地としては、例えば、約 5~20%の胎児牛血清を含む MEM 培地 [サイエンス (Science)、122 卷、501 (1952)]、DMEM 培地 [ヴィロロジー (Virology)、8 卷、396 (1959)]、 RPMI1640 培地 [ジャーナル・オブ・ザ・アメリカン・メディカル・アソシエーション (The Journal of the American Medical Association)、199 卷、519 (1967)]、199 培地 [プロシージング・オブ・ザ・ソサイエティ・フォー・ザ・バイオロジカル・メディスン (Proceeding of the Society for the Biological Medicine)、73 卷、

1 (1950)]などを用いる。pHは約6~8であるのが好ましい。培養は通常約30~40°Cで約15~60時間行ない、必要に応じて通気や攪拌を加える。このようにして、形質転換体の細胞内、細胞膜又は細胞外に本発明のポリペプチドを產生させることができる。

5 上記培養物から本発明のポリペプチドを分離精製するには、常法に従う。例えば、本発明のポリペプチドを培養菌体、細胞から抽出するに際して、培養後、公知の方法で菌体又は細胞を集め、これを適当な緩衝液に懸濁し、超音波、リゾチーム及び／又は凍結融解などによって菌体あるいは細胞を破壊したのち、遠心分離やろ過によりポリペプチドの粗抽出液を得る方法などである。該緩衝
10 液の中に尿素や塩酸グアニジンなどの変性剤や、トリトンX-100TMなどの界面活性剤が含まれていてもよい。培養液中にポリペプチドが分泌される場合には、培養終了後、公知の方法で菌体又は細胞と上清とを分離し、上清を集める。このようにして得られた培養上清、又は抽出液中に含まれるポリペプチドの精製は、公知の分離・精製法を適宜組み合わせて行う。これらの公知の分離・精製
15 法としては、塩析や溶媒沈澱法などの溶解度を利用する方法、透析法、限外ろ過法、ゲルろ過法、及びSDS-ポリアクリラミドゲル電気泳動法などの主として分子量の差を利用する方法、イオン交換クロマトグラフィーなどの荷電の差を利用する方法、アフィニティクロマトグラフィーなどの特異的親和性を利用する方法、逆相高速液体クロマトグラフィーなどの疎水性の差を利用する
20 方法、等電点電気泳動法などの等電点の差を利用する方法などがある。

該ポリペプチドが遊離体で得られた場合には、公知の方法よって塩に変換することができ、逆に塩で得られた場合には公知の方法により、遊離体または他の塩に変換することができる。なお、組換え体が產生するポリペプチドを、精製前又は精製後に適当なタンパク修飾酵素を作用させることにより、任意に修飾を加えたり、ポリペプチドを部分的に除去することもできる。タンパク修飾酵素としては、例えば、トリプシン、キモトリプシン、アルギニルエンドペプチダーゼ、プロテインキナーゼ、グリコシダーゼなどがある。このようにして生成した本発明のポリペプチドは、特異抗体を用いたエンザイムイムノアッセイやウエスタンブロッティングなどにより確認することができる。

30 さらに、本発明はヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制するRNA分

子を提供する。該 RNA 分子は、配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする mRNA を、その対応する配列で切断することにより発現を抑制するものと考えられている。例えば、ファイアらの論文 (Fire et.al., Nature 391, 806-811, (1998)) に記載されている RNA 干渉と同じ現象を起こすと考えられる。

5 該 RNA 分子は、配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列の部分配列に対応するヌクレオチド配列、又は該ヌクレオチド配列において、少なくとも 1 塩基が付加、欠失、又は置換された変異ヌクレオチド配列からなり、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する、RNA 分子である。また、該 RNA 分子のヌクレオチド対の数は、15～25、好ましくは 18～24、特に好ましくは 21
10 ～23 である。

前記該特異的タンパク質は、配列番号 1 のアミノ酸配列を有するポリペプチド、又はその変異ポリペプチドである。該変異ポリペプチドは、配列番号 1 のアミノ酸配列と 80% の相同性、好ましくは 90% の相同性、特に好ましくは 95% の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドである。

15 また、本発明の該 RNA 分子は、配列番号 3 のヌクレオチド配列からなる RNA 分子、又は配列番号 3 の配列において、少なくとも 1 塩基が付加、欠失、又は置換された変異ヌクレオチド配列からなり、かつ、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する RNA 分子であってもよい。該 RNA 分子 (siRNA) は、
20 公知の方法 (例、Nature, 411 卷、494 頁、2001 年) に準じて、本発明のポリヌクレオチドの配列をもとに設計することができる。

なお、本発明の RNA 分子を In vivo 又は In vitro で使用する場合、該 RNA 分子とその相補的 RNA からなる 2 本鎖 RNA 分子とする。この場合、該二本鎖 RNA 分子が細胞内で分解しないよう、又は一本鎖に解離しないよう処理するのが好ましい。例えば、該 RNA 分子の 3'-末端に水酸基付加する、二本鎖の両末端を
25 チオホスホリル基によって化学結合させる、又各鎖の間に紫外線、ビス (2-クロロメチル) アミン、4-チオウラシル、ソラレンなどの二官能基により化学結合を誘導するなどの方法で処理することである。

本発明の RNA 分子は、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制するものであるから、肝臓ガンの治療、及び前ガン状態細胞のガンへの移行を阻止する医薬組成物として使用することができる。

該 RNA、又はその塩は、経口的に、又は非経口的に投与することができ、さらに該非経口的投与は、組織への局所的な投与を含む。

本発明の医薬組成物を経口投与する場合、汎用されている担体などの製剤用成分、例えば、充填剤、增量剤、結合剤、崩壊剤、崩壊抑制剤、緩衝剤、等張化剤、乳化剤、分散剤、安定化剤、コーティング剤、界面活性剤、吸収促進剤、保湿剤、湿潤剤、吸着剤、滑沢剤及び賦形剤などを用いることができる。また、必要に応じて着色剤、保存剤、香料、風味剤、甘味剤などの添加剤を用いてもよい。

製薬用成分の具体的な例を挙げると、乳糖、白糖、塩化ナトリウム、ブドウ糖、尿素、デンプン、炭酸カルシウム、カオリン、結晶セルロース、ケイ酸などの賦形剤、水、エタノール、単シロップ、ブドウ糖液、デンプン液、ゼラチン溶液、カルボキシメチルセルロース、セラック、メチルセルロース、リン酸カリウム、ポリビニルピロリドンなどの結合剤、乾燥デンプン、アルギン酸ナトリウム、カンテン末、ラミナラン末、炭酸水素ナトリウム、炭酸カルシウム、ポリオキシエチレンソルビタン脂肪酸エステル、ラウリル硫酸ナトリウム、ステアリン酸モノグリセリド、デンプン、乳糖などの崩壊剤、白糖、ステアリン酸、カカオバター、水素添加油などの崩壊抑制剤、第4級アンモニウム塩、ラウリル硫酸ナトリウムなどの吸収促進剤、グリセリン、デンプンなどの保湿剤、デンプン、乳糖、カオリン、ベントナイト、コロイド状ケイ酸等の吸着剤、精製タルク、ステアリン酸塩等の滑沢剤などである。さらに必要に応じて、上記の各剤形について公知のドラッグデリバリーシステムの技術を採用し徐放化、局所適用化（トローチ、パッカル剤、舌下錠等）、薬物放出制御、腸溶性化、胃溶性化などを施すことができる。

また、非経口投与の場合、点滴、静脈注射、皮下注射、筋肉注射などの注射による投与、油脂製坐剤、水溶性坐剤、座剤による直腸投与などの形態とすることができる。該調剤は、製薬分野における通常の担体を用い、常法により容易に行うことができる。

本発明の siRNA は、安全で低毒性なので、例えば、ヒト、他の哺乳動物（例えば、ラット、マウス、モルモット、ウサギ、ヒツジ、ブタ、ウシ、ウマ、ネコ、イヌ、サルなど）に対して投与することができる。該 siRNA、又はその

塩の投与量は、肝臓ガンの状況、投与対象、投与ルートなどにより差異はある。例えば、経口投与する場合、一般的に、体重 60kg の成人患者においては、一日につき約 10～4000mg、好ましくは約 20～2000mg、より好ましくは約 50～500mg 投与する。非経口的に投与する場合は、該 siRNA の 1 回投与量は投与対象、肝 5 臨嚢ガンの状況などによっても異なるが、例えば、注射剤の形で体重 60kg の成人患者においては、一日につき約 10～2000mg 程度、好ましくは約 20～1000mg 程度、より好ましくは約 50～500mg 程度を静脈から投与するのが好ましい。

また、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質、又はその変異タンパク質を発現する細胞に、前記 RNA 分子を導入すること、該 RNA 分子により RNA 干渉が生 10 じる条件下に前記細胞を維持し、該特異的タンパク質、又はその変異タンパク質をコードする遺伝子から転写された mRNA を分解させることにより、Pim-3 遺伝子のノックアウト細胞を製造することができる。このノックアウト細胞を使うことにより、Pim-3 遺伝子がコードするポリペプチドの機能を調べることができる。したがって、前記 RNA 分子を利用することにより、Pim-3 遺伝子ヒ 15 ト肝臓ガン特異的タンパク質の機能解析用キットを作製することができる。

産業上の利用可能性

本発明により提供されたヒト原ガン遺伝子 Pim-3 にコードされている新規な肝臓ガン特異的ポリペプチド、その特異的抗体、該特異的ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、及び該特異的ポリペプチドの発現を特異的に抑制する siRNA は、新規な肝臓ガンの診断方法、診断試薬、及び肝臓ガンの治療方法などの用途を有する。

実施例 1

25 肝臓ガンモデルマウスの作製

チサリ博士 (Dr. F. V. Chisari: The Scripps Research Institute, La Jolla, CA) から、107-5D 系統の HBsAg トランスジェニックマウス (公式名称 ; Tg [Alb-1, HBV] Bri66; inbred B10D2, H-2d) の提供を受けた。107-5D 系統には、アルブミンプロモーターの転写制御下に置かれた HBV エンベロープ全体をコードした領域 30 (subtype ayw) が存在し、HBV のそれぞれスモール、ミドル、ラージエンベロ

ープ蛋白質を肝細胞内で発現する (*2)。

このマウスは、T 細胞 レベルでの HBs 導入遺伝子に対し免疫寛容であるため (*3)、HBsAg 特異的細胞障害性 T 細胞の養子移入を受けなければ、一生涯肝臓疾患の症状を見せることはない (*2、*4)。

慢性肝炎が関与する肝臓疾患モデルを下記の方法で作製した。すなわち、オ
5 スの HBsAg トランスジェニックマウスの胸腺を摘出し、放射線 (900 cGy) を
照射した後、同系統の遺伝子操作をしていない B10D2 (H-2d) マウスから骨髄
細胞を移植しトランスジェニックマウスの造血システムを再構築した。そして
骨髄移植後 1 週間目に、該マウスに、脾臓細胞の移植 3 週間前に、HBsAg を発
現している組換えワクシニアウイルス (HBs-vac) を、腹膜内に感染させた同系
10 統の遺伝子操作を行っていない B10D2 (H-2d) マウスの脾臓細胞 108 個を移植
した。リンパ球の移植から 12 から 15 ヶ月後、複合的な肝臓ガンの病巣が該マ
ウスに発生していた (*1)。

非腫瘍部位と腫瘍部位とを実体顕微鏡下で区別し、別々に切り離した。そして、得られた非腫瘍部位を光学顕微鏡下で観察し、非ガン細胞で異常な形態を
15 した肝細胞の存在を確かめた。そして、この非ガン細胞を含む非腫瘍部位を次の実験において前癌状態の病変として用いた。また、肝臓組織はコントロールとしてリン酸緩衝液で処理、または免疫していないマウス脾細胞を移植したト
ランスジェニックマウスからも得た。

20 実施例 2

肝臓ガン特異的タンパク質遺伝子のスクリーニング

実施例 1 のモデルマウス、及び正常マウス肝臓組織から抽出した全 RNA を、イトウらにより記述されている方法に従い、蛍光ディファレンシャルディスペ
25 レー (FDD) にかけた (*5)。

すなわち、全 RNA を RNA-ビー (RNA-Bee: Biotecx Laboratories 社) を用いて
単離後、RN アーゼを含まない DN アーゼ (宝酒造株式会社) で処理した。精製
された RNA 2.5 μg、逆転写酵素 (SuperScript reverse transcriptase: Invitrogen 社)、
及び蛍光ラベルしたアンカープライマー GT15A、GT15C、GT15G を用いて逆転
写反応を行った。

50ng の RNA に相当する cDNA を合成し、該 cDNA を、アンカープライマー 0.5 μM と、任意のプライマー（10 mer kit A、Operon 社）0.5 μM、それぞれの dNTP 50 μM、Gene Taq DNA ポリメラーゼ（株式会社ニッポンジーン）1 ユニット、Taq DNA ポリメラーゼ（宝酒造株式会社）1 ユニットのとともに用いて、
5 ポリメラーゼ連鎖反応（PCR）を行った。PCR 生産物は、6%ポリアクリルアミド-8M 尿素ゲルで分離し、Vistra Fluor Imager SI（Molecular Dynamics 社）で分析した。

そして、目的のバンドをゲルから抽出し、pSTBlue-1 ベクター（Novagen 社）を用いてクローニングした。そして、挿入した cDNA の塩基配列を、CEQ 2000
10 DNA 分析システム（Beckman Coulter 社）を用いて決定し、Gene Bank のデータベースと照らし合わせるため、BLAST プログラムで分析した。

このようにして、本発明者らは、前癌状態の病変と正常肝臓との遺伝子発現様式を、60 個の独立したプライマーの組み合わせを用いて、FDD で比較することができた。2 回の独立した実験で、38 個と 56 個のバンドの発現がそれぞれ再現性をもって上昇、または減少した。得られたバンドの塩基配列は、前癌状態の病変において発現が上昇、または減少したバンドで、それぞれ 24 個と 19 個の独立した遺伝子を確認することができた。これまでの研究報告では、これらのほとんどの遺伝子が肝臓において発現していることが示されている。

しかし、前癌状態の病変において発現が上昇した Pim-3 遺伝子に関して、正常肝細胞や肝臓ガン細胞における発現は報告されていなかったので、本発明者らは該 Pim-3、すなわち Pim-1 と Pim-2 を含むセリン／スレオニンキナーゼ活性を持つ原ガン遺伝子ファミリーに属する Pim-3 に焦点を当てて、半定量的 RT-PCR 解析を行った。

25 実施例 3

Pim-3 の半定量的 RT-PCR 解析

実施例 2 の方法で抽出した全 RNA を用い、キタムラらの論文に記載された方法により半定量的 PCR 分析を実施した (*6)。Pim-3 遺伝子、及びグリセロアルデヒド 3 リン酸脱水酵素（GAPDH）遺伝子增幅用プライマーセットを用いて増幅を行ない、対応する cDNA を得た。

これらのプライマーの配列を次に示す。

Pim-3 センス;

5'-AAGCAGTGACCTCTGACCCCTGGTGACC-3' (配列番号 : 3)

5 Pim-3 アンチセンス;

5'-CAGCGGAACCGCTCATTGCCAATGG-3' (配列番号 : 4)

GAPDH センス;

5'-ACCACAGTCCATGCCATCAC-3' (配列番号 : 5)

GAPDH アンチセンス;

10 5'-TCCACCAACCCTGTTGCTGTA-3' (配列番号 : 6)

逆転写酵素 (REeverTra Ace : 東洋紡績株式会社)・ヘキサヌクレオチド・ランダム・プライマー (Amersham-Bioetch 社) を含む 20 μl の反応液中で、精製全 RNA 1 μg から cDNA を合成した。得られた cDNA 0.5 μl と TaqDNA ポリメラーゼ (宝酒造株式会社) 及び配列番号 3 と 4 ないし 5 と 6 の組み合わせのプライマーを用いて、Gene Amp PCR System 9700 (Applied Biosystem 社) にて、以下の温度条件で遺伝子増幅を行なった：(94°C・2 分) × (94°C・30 秒、55°C・1 分、72°C・1 分) × 30 回、(72°C・5 分) × 1 回。

得られた PCR 生産物を、1.5% アガロースゲルにより分離し、臭化エチジウム染色で可視化した。バンドの強度を NIH イメージ分析ソフトウェア Ver 1.61 (National Institutes of Health, Bethesda, MD) を用いて測定し、GAPDH との比率を計算した。

図 1 は、Pim-3 発現レベルを示すグラフである。図 1において、N は、免疫した脾臓細胞を導入する前、9 は免疫した脾細胞を導入後 9 ヶ月目 (慢性肝炎の病変)、15 は免疫した脾細胞を導入後 15 ヶ月目 (前癌状態の病変)、及び C は免疫していない脾細胞を導入後 15 ヶ月目の HBsTg マウス肝臓組織から全 RNA を抽出し、半定量的 RT-PCR 解析を行うことにより測定したデータを示す。Pim-3 と GAPDH の PCR 生産物の比率を決定し、何も処理していないマウスの比率を 1.0 と仮定して比強度を計算した。そして、平均と SD を計算し、図に示した。統計学的有意性は ANOVA 検定を用いて評価し、P < 0.05 は統計学的に有

意とした。

この Pim-3 に焦点を当てた半定量的 RT-PCR 解析の結果は、前記 FDD 解析の結果と矛盾せず、図 1 から明らかなように、Pim-3 mRNA の発現がコントロールと比べて前癌状態の組織で有意に強くなっていることを示している。

5 実施例 4

ヒト Pim-3 遺伝子のクローニングと塩基配列の決定

実施例 2 及び 3 で、マウス肝癌モデルの前癌状態で特異的に発現する遺伝子と判断された Pim-3 (hPim-3) のヒト相同遺伝子のスクレオチド配列を決定するため、ヒト肝臓ガン細胞株 HepG2 から cDNA ライブラリーを作製し、スクリーニングを行って Pim-3 cDNA のクローニングとスクレオチド配列の決定を行った。

まず、細胞株 HepG2 を、熱で不活化したウシ胎児血清 (Atlanta Biologicals 社, Norcross, Ga.) 10% を加えたダルベッコ変法イーグル培地(Dulbecco's modified Eagle's medium:DMEM; Sigma 社)を用いて、炭酸ガス 5% を含む空気で満たされた加湿環境において、37°C で培養した。

続いて、細胞株 HepG2 から全 RNA を単離し、ポリ A Tail を含む mRNA を、mRNA 精製キット (OligotexTM-dT30 mRNA Purification kit: 宝酒造株式会社) で分離した。得られた cDNA を、逆転写酵素 (SuperScript reverse transcriptase: Invitrogen 社) とオリゴ-dT プライマーで合成し、使用説明書に従い、大腸菌 DH10B (Invitrogen 社) を用いて、pCMVSPORT6 (Invitrogen 社) 中に cDNA ライブラリーを構築した。1 段階目のスクリーニングは、配列番号 7 のオリゴマーをプローブとして使用し、GENE TRAPPER cDNA ポジティブセレクションシステム (GENE TRAPPER cDNA Positive Selection System: Invitrogen 社) を利用して行った。

25

オリゴマーの配列 5'-CTGTGAAGCACGTGGTGAAG-3' (配列番号: 7)

得られたコロニーに対し、前記プライマーセットを用いて 2 段階目のコロニー-PCR スクリーニングを行った。

30

該 2 段階スクリーニングにより 3 個の陽性クローンが得られ、これらの 3 個の独立した cDNA クローンは、2,392bp のヌクレオチド配列からなる、同じインサートを含んでいた。5'非翻訳領域は GC 含有率が 82.3% であり、そして 3'非翻訳領域は ATTTA モチーフが 5 コピーと TATT モチーフが 8 コピー含まれていた（図 2）。この配列は、EST データベース上で示された hPim-3 cDNA 配列の特定部分配列と同一であった。そのオープンリーディングフレーム（ORF）は 326 残基のアミノ酸配列（配列番号：1 を含む分子量 35,875 のポリペプチド（タンパク質）をコードしていた（図 3）。なお、図 2 において AT リッチモチーフ（TATT 又は ATTTA）はハイライトで示した。

さらに、該 ORF から得られアミノ酸配列（配列番号：1）は、マウスやラットの Pim-3 ポリヌクレオチドと高度な同一性（95.0%）を有していた（図 3）。これらの結果をもとに、本発明者らは該クローンをヒト Pim-3 cDNA と判断した。

該 cDNA にコードされているヒト Pim-3 ポリペプチドは、ウズラ Pim（73.9%）やツメガエル（Xenopus）Pim-3（Pim-1: 68.7%）とアミノ酸レベルで高い相同意を示した。さらに、該ヒト Pim-3 はヒト Pim-1（57.1%）及びヒト Pim-2（44.0%）とアミノ酸レベルで高い相同意を示した（図 4）。なお、図 3 におけるヒト、ラット、及びマウス Pim-3 の比較、並びに、図 4 のヒト Pim-1～3 のアミノ酸配列の比較は、DNASIS-Mac バージョン 3.0 ソフトウェア（DNASIS-Mac version 3.0 software: Hitachi Software engineering Co., Ltd., Yokohama, Japan）を用いて行った。これらの配列において hPim-3 と同じアミノ酸残基はハイライトで示した。

実施例 5

ヒト正常組織におけるヒト Pim-3 mRNA の発現

ヒト正常組織における hPim-3 mRNA の発現を調べるため、実施例 3 の hPim-3 陽性 cDNA クローン（2,392bp）に対応する 2.4k bp の mRNA の発現をノーザンプロット解析により調べた。対象にした組織は、1：脳、2：心臓、3：骨格筋、4：結腸、5：胸腺、6：脾臓、7：腎臓、8：肝臓、9：小腸、10：胎盤、11：肺、及び 12：末梢血の白血球（数字は図 5 におけるレーン参照番号）であり、mRNA の量を評価するために、同じ組織における GAPDH mRNA の発現を解析し、そ

それぞれの hPim-3 のレーンに並行して示した。

該ノーザンプロット解析における mRNA の分析は、ヒト 12-レーン MTNTM プロット (Human 12-Lane MTNTM Blot: Clontech 社, Palo Alto, CA) を用いておこなった。In vitro で転写し、ジゴキシグニン (DIG) でラベルしたプローブを 5 それぞれ適切な温度 (Pim-3; 70°C, GAPDH; 68°C) でハイブリダイズさせた。その後、0.1% ドデシル硫酸ナトリウム (SDS) を含む 2×SSC バッファーを用い 68°C で 15 分間洗浄し、次いで 0.1% SDS を含む 0.5×SSC バッファーを用い 68°C で 15 分間洗浄を行った。そして、ハイブリダイズしたプローブを使用説明書に従 10 い、DIG 検出キット (DIG detection kit: Boehringer Mannheim Biochemicals 社) で 検出した。

その結果、図 5 示すように Pim-3 は心臓と骨格筋で強く、脳、脾臓、腎臓、胎盤、肺、及び末梢血の白血球で中程度に発現していたのに対し、結腸や胸腺、肝臓、及び小腸では発現は検出されなかった。

15 実施例 6

ヒト肝臓ガン細胞株におけるヒト Pim-3 mRNA の発現

ヒト肝臓ガン細胞における hPim-3 mRNA の発現を調べるため、RT-PCR 解析を行った。すなわち、ヒト肝臓ガン細胞株 HepG2 (1)、Hep3B (2)、HLE (3)、HLF (4)、HuH7 (5)、及び SK-Hep (6)から、実施例 2 の方法で全 RNA を抽出し、Pim-3 遺伝子、及びグリセロアルデヒド 3 リン酸脱水酵素 (GAPDH) 遺伝子增幅用 20 プライマーセットを用いて RT-PCR を行った。その結果、図 6 に示されているように、解析した肝臓ガン細胞すべてに hPim-3 が検出された。なお、上記 (1) ~ (6) は図 6 における参照番号である。

25 実施例 7

Pim-3 ポリペプチドに対する抗体の作製

抗 Pim-3 抗体を、アサヒテクノグラス株式会社に受託し、調製した。まず、Pim-3 のポリペプチドのアミノ酸配列 (配列番号 1) のアミノ酸残基 13 位から 32 位に対応するペプチド断片を、カサガイのヘモシアニン (KLH) に結合させ 30 た化合物 (KLH: CGPGGVVDHLPVKILQPAKAD:配列番号 : 8) を作製し、これ

を2羽のニワトリに投与して免疫した。免疫前と免疫後に卵黄を取得し、IgY蛋白質を使用説明書に従い EGG ストラクト IgY 精製システム (EGGstract IgY Purification System (Promega 社)) を用いて精製し、280 nm で吸光度を測定することにより定量した。

5

実施例 8

ヒト肝臓ガン組織における hPim-3 の発現

ヒト肝臓ガン組織における hPim-3 の発現を調べるため、ヒト肝臓ガン組織と正常肝臓において抗体を用いて免疫組織化学的解析を行った。

10 まず、パラフィンで包埋したヒト肝臓ガン領域組織をキシレン中で脱パラフィンを行ない、エタノール濃度 (100~70%) の緩やかな勾配で処理し再水和した。該試料を 0.3% (w/v) 過酸化水素を含む PBS (-) 中で処理した後、3%の正常なウサギの血清 (DAKO) を含む 2%の BSA/PBS (-) 液に加え、アビジンービオチンプロッキングキット (Avidin-Biotin blocking kit: Vector Laboratrise 社) で15 処理した。続いて、該試料を載せたスライドを 10 μg/ml の抗 Pim-3 IgY、又は免疫前に得た IgY により一晩 4°C で処理し、引き続き 2.5 μg/ml のビオチン結合ラビットー抗ニワトリ IgY 抗体 (Promega 社) を用いて、室温で 30 分間処理した。得られた免疫複合体を、ベクタステインエリート ABC キット (Vectastain Elite ABC kit: Vector Laboratories 社) とベクタステイン DAB 基質キット (Vectastain 20 DAB substrate kit: Vector Laboratories 社) を用いて、使用説明書に従い可視化した。その後、前記スライドを、ヘマトキシリソ (hematixylin: DAKO 社) で共染色し、顕微鏡下で観察した。また、コントロールとして、正常な肝臓組織を行い同様の処理を行って比較試料を作製した。

その結果、図 7 に示すように肝臓ガン組織において、免疫前 IgY では hPim-3 ポリペプチドは検出されなかったが (図なし)、抗 Pim-3 抗体では、再生している胆管上皮と同じように (図なし)、多くの肝臓ガン細胞で免疫反応活性が検出された。一方、正常細胞では hPim-3 ポリペプチドは検出されなかった (図なし)。これらの結果から、正常肝臓細胞では Pim-3 が発現しておらず、一方、肝臓ガン細胞では特異的に発現していることが示されている。

30 なお、図 7 の B は、A の四角内領域の 1 つを拡大したものであり、B は特異

的に染色された肝臓ガン細胞を示している。拡大倍率はAが40倍、Bが400倍である。

実施例9

5 siRNA の作製

まず、肝臓ガン特異的に hPim-3 が発現するという知見に基づき、次の手順で siRNA (Short interfering RNA) を作製した。その合成は、サイレンサーTM siRNA 合成キット (SilencerTM siRNA Construction Kit: Ambion 社) を用いて、使用説明書に従い行った。まず、siRNA 標的ファインダ (siRNA Target Finder: Ambion 社) 及び siRNA 設計ツール (siRNA Design Tool: Ambion 社) を使用し、mRNA における標的が、Pim-3 をコードしている mRNA のオープンリーディングフレーム (ORF) にある AA (N19) UU 配列となるよう、siRNA 二本鎖分子を設計した。すなわち選択した siRNA の標的配列は、配列番号 9 のヌクレオチド配列を持つ RNA 部分である。該 RNA 部分に関し、他のヒトゲノム配列とともに BLAST 検索にかけて標的の特異性を確認した。標的となる mRNA のヌクレオチド配列と、作製した siRNA のヌクレオチド配列は次のとおりである。

標的となる mRNA のヌクレオチド配列(cDNA 対応) :

5'-GCACGTGGTGAAGGAGCGCGG-3' (配列番号 : 9)

20 siRNA のヌクレオチド配列 :

5'-CCGCGCUCCUUCACCACGUGC-3' (配列番号 : 10)

次いで、陰性コントロールとして、B-プリッジインターナショナル社で設計されたランダム RNA 断片 (配列番号 : 11) を採用した。

25

ランダム RNA 断片のヌクレオチド配列 :

5'-GCGCGCUUUGUAGGAUUCG-3' (配列番号 : 11)

実施例10

30 hPim-3 siRNA の効果試験

実施例 9 の siRNA、及びランダム RNA 断片を用いて siRNA の効果を試験した。

まず、HuH7 細胞 (7×105 個) を直径 6cm 細胞培養ディッシュに播き、2 日間培養したのち、前記 siRNA 二本鎖分子、及びランダム RNA 断片をそれぞれ
5 125 pmol と、リポフェクタミン 2000 (Lipofectamine 2000: Invitrogen 社) $12.5 \mu\text{l}$ 、及び Opti-MEM (Invitrogen 社) 2.5 ml を混ぜ、室温 20 分間静置した。該混合液は、事前に無血清 DMEM で洗浄した飽和前の細胞に直接加えた。次の日、FBS を 20% 含む DMEM を 2.5 ml 加え、FBS の最終濃度が 10% になるように調整した。所定の時間静置した後、次の解析のために細胞を回収した。

10 このようにトランスフェクションしてから 2 日後、細胞をトリプシンで処理し 96-ウェルプレートにそれぞれ 5×103 個の細胞を播いた。細胞の生存活性は WST-1 試薬 (MTT のアナログ; Boehringer Mannheim Biochemicals 社) を使用して、毎日測定し、0 日目の値を基準として比率を計算することにより細胞増殖解析を行った。

15 該解析の結果、図 8 のグラフで示すように、ランダム RNA 断片をトランスフェクションさせたコントロールと比較し、Pim-3 の siRNA をトランスフェクションした場合、明らかに細胞の生存活性は減少していた。また、トランスフェクション後 4 日目以降では、図 9 に示すように、ランダム RNA 断片処理群は細胞が剥がれていないのでに対し、Pim-3 の siRNA の処理群では細胞が剥がれ始めた。
20 したがって、Pim-3 の siRNA 処理によりヒト肝臓ガン細胞 HuH7 の生存活性が低下することが示されている。

実施例 11

hPim-3 siRNA を導入した肝臓ガン細胞の細胞周期の解析

25 実施例 10 と同じ方法で hPim-3 siRNA を導入した肝臓ガン細胞 HuH7 を用い、フローサイトメトリーによる細胞周期解析を行った。すなわち、該細胞をトランスクレクション後 4 日目に回収し、氷中でエタノールを用いて細胞を固定した。そして、ヨウ化プロピジウム (propidium iodine) $50 \mu\text{g/ml}$ と、RN アーゼ A $1 \mu\text{g/ml}$ を加え、室温で 30 分間処理し、EDTA を最終濃度 $10 \mu\text{M}$ となるように
30 加えて反応を止めた。細胞をフィルター処理した後、FACS キャリバー

(FACSCaliber: Becton Dickinson 社, Bedford, Mass.) を用いて分析し、次いで、それぞれの細胞周期の分布を細胞探索分析ソフトウェア (Cell Quest analysis software: Becton Dickinson 社) を用いて検討した。その結果、図 10 に示すように、Pim-3 の siRNA を導入した肝臓ガン細胞では、ランダム mRNA 断片を導入した細胞や、コントロールの細胞と比較し、G1 期や G2/M 期の細胞が減少し、サブ-G1 期の細胞が高い比率で含まれていた。実施例 10 で示されたガン細胞 HuH7 の生存活性の低下、及び細胞周期の変化は、hPim-3 siRNA により、hPim-3 の発現が抑制され細胞 HuH7 の細胞死が誘導されたこと示している。

本明細書の配列表の配列番号は、以下の配列を示す。

10 (配列番号 : 1)

本発明の肝臓ガン特異的ポリペプチドに含まれる、アミノ酸配列の示す。

(配列番号 : 2)

本発明の肝臓ガン特異的ポリペプチド、及びその調整領域等をコードする塩基配列を示す。

15 (配列番号 : 3)

実施例 3 で用いた Pim-3 センスプライマーの塩基配列を示す。

(配列番号 : 4)

実施例 3 で用いた Pim-3 アンチセンスプライマーの塩基配列を示す。

(配列番号 : 5)

20 実施例 3 で用いた GAPDH センスプライマーの塩基配列を示す。

(配列番号 : 6)

実施例 3 で用いた GAPDH アンチセンスプライマーの塩基配列を示す。

(配列番号 : 7)

25 実施例 4 で hPim-3 の一次スクリーニングに用いたプローブの塩基配列を示す。

(配列番号 : 8)

実施例 7 で用いられた hPim-3 ポリペプチドに対する抗体製造に用いたエピトープのアミノ酸配列を示す。

(配列番号 : 9)

30 実施例 9 における標的となる mRNA のヌクレオチド配列 (cDNA 対応) を示

す。

(配列番号： 1 0)

実施例 9 で作製した本発明の siRNA のヌクレオチド配列を示す。

(配列番号： 1 1)

5 実施例 9 で用いたランダム RNA 断片のヌクレオチド配列を示す。

(参考文献)

1. Nakamoto, Y., L. G. Guidotti, C. V. Kuhlen, P. Fowler, and F. V. Chisari. 1998. Immune pathogenesis of hepatocellular carcinoma. *J. Exp. Med.* 188: 341-350.
- 10 2. Chisari, F. V., P. Fillipi, A. McLachlan, D. R. Milich, M. Riggs, S. Lee, R. D. Palmiter, C. A. Pinkert, and R. L. Brinster. 1986. Expression of hepatitis B virus large envelope polypeptide inhibits hepatitis B surface antigen secretion in transgenic mice. *J. Virol.* 60: 880-887.
- 15 3. Wirth, S., L. G. Guidotti, K. Ando, H. J. Schlicht, and F. V. Chisari. 1995. Breaking tolerance leads to autoantibody production but not autoimmune liver disease in hepatitis B virus envelope transgenic mice. *J. Immunol.* 154: 2504-2515.
4. Moriyama, T., S. Guilhot, K. Klopchin, B. Moss, C. A. Pinkert, R. D. Palmiter, R. L. Brinster, O. Kanagawa, and F. V. Chisari. 1990. Immunobiology and pathogenesis of hepatocellular injury in hepatitis B virus transgenic mice. *Science* 248: 361-364.
- 20 5. Ito, T., and Y. Sakaki. 1999. Fluorescent differential display: a fast and reliable method for message display polymerase chain reaction. *Methods enzymol.* 303: 298-309.
6. Kitamura, K., Y. Nakamoto, M. Akiyama, C. Fujii, T. Kondo, K. Kobayashi, S. Kaneko, and N. Mukaida. 2002. Pathogenic roles of tumor necrosis factor receptor 25 p55-mediated signals in dimethylnitrosamine-induced murine liver fibrosis. *Lab. Invest.* 82: 571-583.

請求の範囲

1. 配列番号 1 のアミノ酸配列に対し、少なくとも 80% の相同性を有し；配
5 列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296 又は
300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番
目アミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目の
アミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基
が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列を有し；かつ配
10 列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫
原性を有する、ポリペプチド。
2. 相同性が少なくとも 90% である、請求項 1 記載のポリペプチド。
3. 相同性が少なくとも 95% である、請求項 1 記載のポリペプチド。
4. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含む、ポリペプチド。
- 15 5. 配列番号 1 のアミノ酸配列の部分配列；又は配列番号 1 のアミノ酸配列
に対し、少なくとも 80% の相同性を有し、かつ配列番号 1 のアミノ酸配列に対
応して、少なくとも N-末端から 39、84、296 又は 300 番目のアミノ酸残基が
Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、
195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297
20 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のア
ミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列の部分配列を有し；かつ請求項 4 のポリ
ペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド断片。
6. 請求項 1、又は 4 記載のポリペプチド、又は請求項 5 のポリペプチド断
片からなる群から選ばれる少なくとも 1 を含む、請求項 4 のポリペプチドに対
25 し特異的な抗体製造用組成物。
7. 請求項 6 記載の組成物を、哺乳類に投与することを含む、請求項 4 のポ
リペプチドに対する抗体の製造方法。
8. 請求項 4 記載のポリペプチドに特異的に結合する抗体。
9. 該抗体が、ポリクローナル抗体、又はモノクローナル抗体である、請求
30 項 8 記載の抗体。

10. 請求項 8 記載の抗体を含む、肝臓ガン、又は肝臓前ガン状態診断用キット。
11. 配列番号 1 のアミノ酸配列に対し、少なくとも 80% の相同性を有し；配列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296 又は 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列を有し；かつ請求項 4 のポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチドをコードするポリヌクレオチド。
12. 該相同性が少なくとも 90% である、請求項 11 記載のポリヌクレオチド。
13. 該相同性が少なくとも 95% である、請求項 11 記載のポリヌクレオチド。
14. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチド。
15. 配列番号 1 のアミノ酸配列の部分配列；又は配列番号 1 のアミノ酸配列に対し、少なくとも 80% の相同性を有し、かつ配列番号 1 のアミノ酸配列に対応して、少なくとも N-末端から 39、84、296 又は 300 番目のアミノ酸残基が Ala、85 番目のアミノ酸残基が Thr、163 又は 333 番目のアミノ酸残基が Ser、195 又は 257 番目のアミノ酸残基が Leu、271 番目のアミノ酸残基が Arg、297 番目のアミノ酸残基が Asp、313 番目のアミノ酸残基が Pro、又は 316 番目のアミノ酸残基が Val であるアミノ酸配列の部分配列を有し；かつ請求項 4 のポリペプチドに対する抗体産生を誘導する免疫原性を有する、ポリペプチド断片をコードするポリヌクレオチド。
16. 配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列を含む、ポリヌクレオチド。
17. 請求項 11、14、15、又は 16 のいずれか 1 項記載のポリヌクレオチドを含む、ベクター。
30. 18. 請求項 17 のベクターで形質転換された、宿主細胞。

19. 請求項 1、又は 4 記載のポリペプチド、又は請求項 5 記載のポリペプチド断片を製造する方法であって、請求項 18 の宿主細胞を該ポリペプチド又は該ポリペプチド断片が產生され得る条件で培養し、次いで該ポリペプチド又は該ポリペプチド断片を回収することを含む、該製造方法。
- 5 20. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチドに対応する、少なくとも 15 ヌクレオチドを含む、PCR 用プライマー。
21. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードするポリヌクレオチドと、相補的なポリヌクレオチドに対応する、少なくとも 15 ヌクレオチドを含む、PCR 用プライマー。
- 10 22. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチドの検出方法であって、請求項 20 及び 21 の PCR 用プライマーを行い、PCR を行うことを含む、該検出方法。
23. 配列番号 1 のアミノ酸配列を含むポリペプチドをコードする、ポリヌクレオチドを検出するキットであって、請求項 20 及び 21 の PCR 用プライマーを含む該キット。
- 15 24. 配列番号 2 の第 436～第 1413 のヌクレオチド配列の部分配列に対応するヌクレオチド配列、又は該ヌクレオチド配列において、少なくとも 1 塩基が付加、欠失、又は置換された変異ヌクレオチド配列からなり、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する、ヌクレオチド対が 15～25 の RNA 分子。
25. 25. 該ヌクレオチド対が 18～24 である、請求項 24 記載の RNA 分子。
26. 該ヌクレオチド対が 21～23 である、請求項 24 記載の RNA 分子。
27. 該特異的タンパク質が、配列番号 1 のアミノ酸配列を有するタンパク質、又はその変異タンパク質である、請求項 24 記載の RNA 分子。
28. 該変異タンパク質が、配列番号 1 のアミノ酸配列と 80% の相同性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質である、請求項 24 記載の RNA 分子。
29. 該変異タンパク質が、配列番号 1 のアミノ酸配列と 90% の相同性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質である、請求項 24 記載の RNA 分子。
30. 該変異タンパク質が、配列番号 1 のアミノ酸配列と 95% の相同性を有するアミノ酸配列を有するタンパク質である、請求項 24 記載の RNA 分子。
31. 配列番号 10 のヌクレオチド配列からなる RNA 分子。

32. 配列番号10の配列において、少なくとも1塩基が付加、欠失、又は置換された変異クレオチド配列からなり、かつ、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制するRNA分子。

33. その3'-末端に水酸基を有する、請求項24記載の該RNA分子。

5 34. 請求項24～32のいずれか1項記載のRNA分子を含む、ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質の発現を抑制する医薬組成物。

35. ヒト肝臓ガンの特異的タンパク質、又はその変異タンパク質を発現する細胞に、請求項24～32のいずれか1項記載のRNA分子を導入すること、該RNA分子によりRNA干渉が生じる条件下に前記細胞を維持し、該特異的タ
10 ヌクレオチド配列をコードする遺伝子から転写されたmRNAを分解させることを含む、ノックアウト細胞の製造方法。

36. 請求項34記載の方法で製造した、ノックアウト細胞。

37. 請求項24～32のいずれか1項記載のRNA分子を含む、ヒト肝臓ガン特異的タンパク質の機能解析用キット。

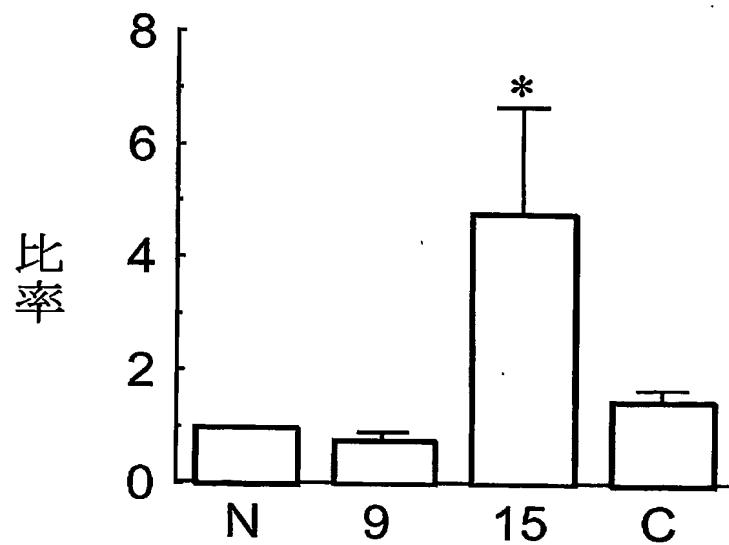


図 1

2 A

2/1/10

ヒト	1	MLLSKFGSLA	10	HLCGPGGVVDH LPVKILOPAK	20	ADKESFEKAY	30	QVGAVLGS GG	40	50
ラット	1	MLLSKFGSLA	10	HLCGPGGVVDH LPVKILOPAK	20	ADKESFEKAY	30	QVGAVLGS GG	40	50
マウス	1	MLLSKFGSLA	10	HLCGPGGVVDH LPVKILOPAK	20	ADKESFEKAY	30	QVGAVLGS GG	40	50
ヒト	51	[FGTVYAGSRI	60	ADGLPVAVKH	70	VVKERVTEWG	80	SLGGATVPLE	90	VVLLRKVGAA
ラット	51	[FGTVYAGSRI	60	ADGLPVAVKH	70	VVKERVTEWG	80	SLGGMAVPLR	90	VVLLRKVGAA
マウス	51	[FGTVYAGSRI	60	ADGLPVAVKH	70	VVKERVTEWG	80	SLGGVAVPLE	90	VVLLRKVGAA
ヒト	101	GGARGVIRLL	110	DWFERPDGFL	120	LVLERPEPAQ	130	DLFDFITERG	140	ALDEPLARRF
ラット	101	GGARGVIRLL	110	DWFERPDGFL	120	LVLERPEPAQ	130	DLFDFITERG	140	ALDEPLARRF
マウス	101	GGARGVIRLL	110	DWFERPDGFL	120	LVLERPEPAQ	130	DLFDFITERG	140	ALDEPLARRF
ヒト	151	FAQVLAAVRH	160	CHSCCOVVRD	170	IKDENLLVLDL	180	RSGELKLIDF	190	GSGAIVLKDTV
ラット	151	FAQVLAAVRH	160	CHNCGVVVRD	170	IKDENLLVLDL	180	RSGELKLIDF	190	GSGAIVLKDTV
マウス	151	FAQVLAAVRH	160	CHNCGVVVRD	170	IKDENLLVLDL	180	RSGELKLIDF	190	GSGAIVLKDTV
ヒト	201	YTDFDGTRVY	210	SPPEWIRYHR	220	YHGRSATVWS	230	LGVLILYDMYC	240	GDIPFEODEE
ラット	201	YTDFDGTRVY	210	SPPEWIRYHR	220	YHGRSATVWS	230	LGVLILYDMVC	240	GDIPFEODEE
マウス	201	YTDFDGTRVY	210	SPPEWIRYHR	220	YHGRSATVWS	230	LGVLILYDMVC	240	GDIPFEODEE
ヒト	251	ILRGRLFERR	260	RVSPCQQLI	270	RWCCLSRPSE	280	RPSLDQIAAH	290	PWMLGAQGGA
ラット	251	ILRGRLFERR	260	RVSPCQQLI	270	RWCCLSRPSE	280	RPSLDQIAAH	290	PWMLGTEGSV
マウス	251	ILRGRLFERR	260	RVSPCQQLI	270	RWCCLSRPSE	280	RPSLDQIAAH	290	PWMLGTEGSV
ヒト	301	PISCDLRLCT	310	LDPDDVASTT	320	SSSESID				
ラット	301	PENCDLRLCA	310	LDTDDGASTT	320	SSSESID				
マウス	301	PENCDLRLCA	310	LDTDDGASTT	320	SSSESID				

図 3

Pim-1	1	MILSKINSLA	10	HLRAAPCND	20	LHATKLAPGK	30	EKEPLESQY	40	QVGPLLGS GG	50
Pim-2	1	MUTKPLQ	—	GPPAP	—	PGTPTPPPGG	—	KDRBAAEAY	—	RLCPILLGKG	50
Pim-3	1	MILSKPGSLA	—	MLCGPGGVDH	[PVKILQPAK]	ADKESFEKAY	—	QVGAVLQS GG	—	—	50
Pim-1	51	FGSVYSGIRV	60	SDNLPVAIKH	70	VEKDRISDWG	80	ELPNNGTRVPM	90	BVVLKKKVSS	100
Pim-2	51	FGTVFAGHRL	—	TDRQLQVAIKV	[PRNQVLGWS	PLSDSVTCPL	—	EVALLWKVGA	—	—	100
Pim-3	51	FGTVYAGSRI	—	ADGLPYAVKH	VVKERVTEWG	SLGGATVPL	—	BVVLRLKVGA	—	—	100
Pim-1	101	—GFSGVIRL	110	LDWFERPDSF	120	VLILERPEPV	130	QDLEDFTERS	140	GALQEELARS	150
Pim-2	101	GGGHPGVIRL	—	LDWFETQEGF	—	MVLERPLPA	—	QDLEDFTTEK	—	GPLGEGPSRC	150
Pim-3	101	AGGARGVIRL	—	LDWFERPDGP	—	LLVLERPEPA	—	QDLEDFTTER	—	GALDEPLARR	150
Pim-1	151	FFFWQVLEAVR	160	HCHNCGVHLIR	170	DIKDENIID	180	LNRGELKLID	190	FGSGALLKDT	200
Pim-2	151	FPOQVVAIAIO	—	HCHSRGVVHR	—	DIKDENIID	—	LRRGCAKLID	—	FGSGAILHDE	200
Pim-3	151	FFAQVLAAVR	—	HCHSCGYVHR	—	DIKDENLLVD	—	LRSGELKLID	—	FGSGAILKDT	200
Pim-1	201	VYTDFDGTRV	210	YSPPPEWIRYH	220	RYHGRSAAW	230	WSLGILLYDMV	240	CGDIPFFHIDB	250
Pim-2	201	PYTDFDGTRV	—	YSPPPEWIRSH	—	QYHALPATWW	—	SLGILLYDMV	—	CGDIPPERDQ	250
Pim-3	201	VYTDFDGTRV	—	YSPPPEWIRYII	—	RYHGRSATWW	—	SLGILLYDMV	—	CGDIPFFQDE	250
Pim-1	251	EIRGQVFVFR	260	QRVSSECQHL	270	IRWCLALRPS	280	DRETFBEIQN	290	HPWMQDVLL	300
Pim-2	251	EIEAEFLHFP	—	AHVSPDCCAL	—	IRRCALPKPS	—	SRSLSLHILL	—	DPWMQTPAED	300
Pim-3	251	EII.RGRJLFR	—	RRVSPPECQQL	—	JRWCLSLRPS	—	ERPSIDQIAA	—	HPWMUMLGADGG	300
Pim-1	301	P—QET	310	ABIII	320	—HSLSPG	330	P—	340	—SK	—
Pim-2	301	VTPQPLQRPP	—	CPFCILVLATL	—	SLAWPGLAPN	—	GQKSHPMAMS	—	QG	—
Pim-3	301	A—PES	—	CDLK	—	—CTLDPP	—	DVA\$TTSSSE	—	SL	—

☒ 4

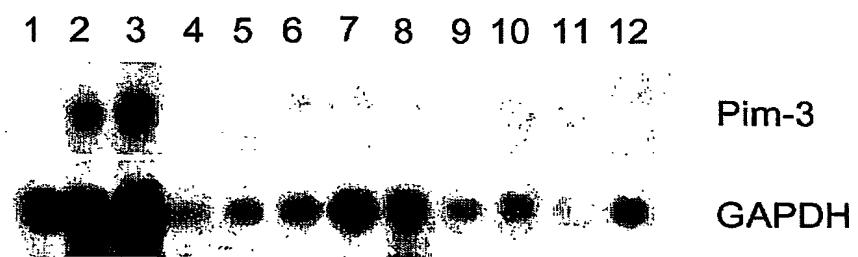


図 5

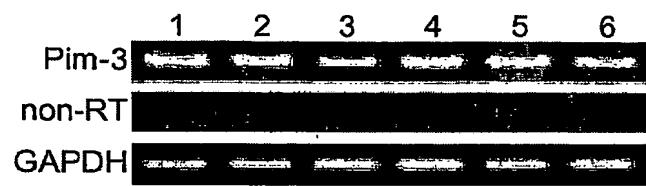


図 6

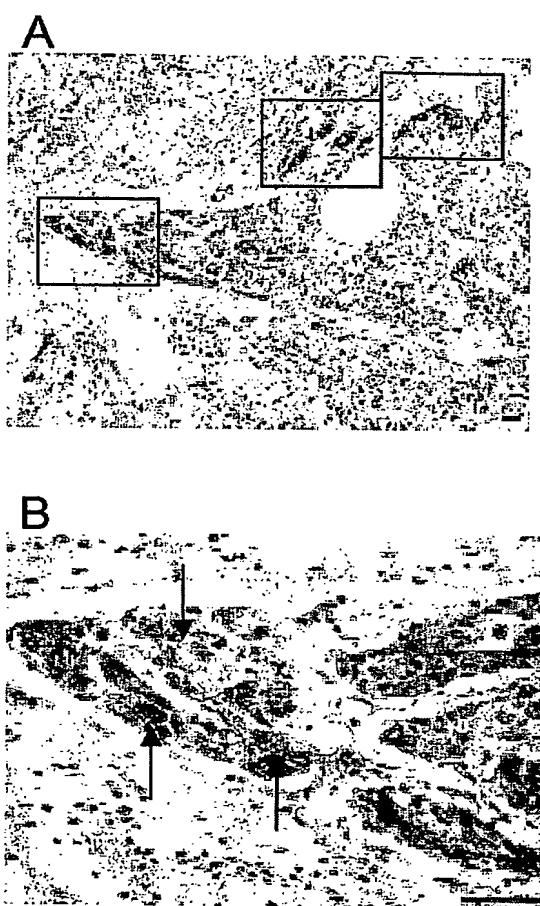


図 7

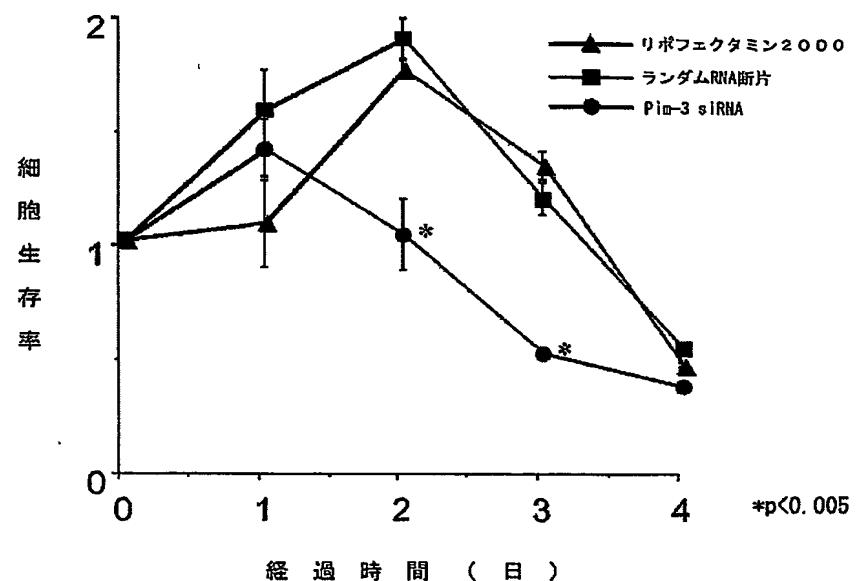


図 8



図 9

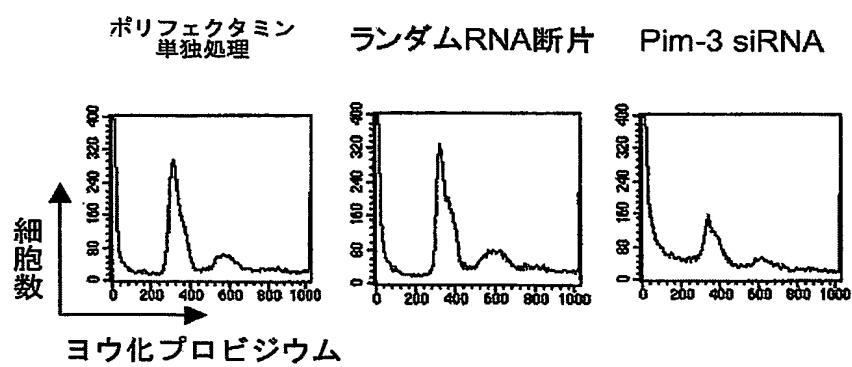


図 10

SEQUENCE LISTING

<110> Kureha Chemical Industry Company Limited

MUKAIDA, Naofumi

5 FUJII, Chifumi

<120> Polypeptide associated with hepatocellular carcinoma, polynucleotide encoding the polypeptide and RNA molecule supressing the polypeptide expression

10 <130> 0701011W01

<160> 11

<170> PatentIn version 3.1

15

<210> 1

<211> 326

<212> PRT

<213> Homo sapiens

20

<400> 1

Met Leu Leu Ser Lys Phe Gly Ser Leu Ala His Leu Cys Gly Pro Gly

1 5 10 15

Gly Val Asp His Leu Pro Val Lys Ile Leu Gln Pro Ala Lys Ala Asp

25 20 25 30

Lys Glu Ser Phe Glu Lys Ala Tyr Gln Val Gly Ala Val Leu Gly Ser

35 40 45

Gly Gly Phe Gly Thr Val Tyr Ala Gly Ser Arg Ile Ala Asp Gly Leu

50 55 60

30

Pro Val Ala Val Lys His Val Val Lys Glu Arg Val Thr Glu Trp Gly
65 70 75 80
Ser Leu Gly Gly Ala Thr Val Pro Leu Glu Val Val Leu Leu Arg Lys
85 90 95
5 Val Gly Ala Ala Gly Gly Ala Arg Gly Val Ile Arg Leu Leu Asp Trp
100 105 110
Phe Glu Arg Pro Asp Gly Phe Leu Leu Val Leu Glu Arg Pro Glu Pro
115 120 125
Ala Gln Asp Leu Phe Asp Phe Ile Thr Glu Arg Gly Ala Leu Asp Glu
10 130 135 140
Pro Leu Ala Arg Arg Phe Phe Ala Gln Val Leu Ala Ala Val Arg His
145 150 155 160
Cys His Ser Cys Gly Val Val His Arg Asp Ile Lys Asp Glu Asn Leu
165 170 175
15 Leu Val Asp Leu Arg Ser Gly Glu Leu Lys Leu Ile Asp Phe Gly Ser
180 185 190
Gly Ala Leu Leu Lys Asp Thr Val Tyr Thr Asp Phe Asp Gly Thr Arg
195 200 205
Val Tyr Ser Pro Pro Glu Trp Ile Arg Tyr His Arg Tyr His Gly Arg
20 210 215 220
Ser Ala Thr Val Trp Ser Leu Gly Val Leu Leu Tyr Asp Met Val Cys
225 230 235 240
Gly Asp Ile Pro Phe Glu Gln Asp Glu Glu Ile Leu Arg Gly Arg Leu
245 250 255
25 Leu Phe Arg Arg Arg Val Ser Pro Glu Cys Gln Gln Leu Ile Arg Trp
260 265 270
Cys Leu Ser Leu Arg Pro Ser Glu Arg Pro Ser Leu Asp Gln Ile Ala
275 280 285
Ala His Pro Trp Met Leu Gly Ala Asp Gly Gly Ala Pro Glu Ser Cys
30 290 295 300

Asp Leu Arg Leu Cys Thr Leu Asp Pro Asp Asp Val Ala Ser Thr Thr
305 310 315 320
Ser Ser Ser Glu Ser Leu
 325

5

<210> 2
<211> 2392
<212> DNA
<213> Homo sapiens

10

<400> 2

agcggaccga cgcgacacgc cgtgcgcctc cgccgctgcg ctacgaaaac gagtcccgga 60

goggccccgc gcccgccgca ccggccctc gcccacccga agacaggcgc ccagctgccc 120

15

cgcgtctcc ccagcttagcg ccggccgcgc gcccgcctcg gggcccccggg cggaaaggggg 180

cgggtccccg attcgccccg ccccgccgga gggatacgcg ggcgcgcggc caaaaacccc 240

20

cggcgaggc ggccggggcg ggtgaggcgc tccgcctgct gctcgctac gcggtccccg 300

cggccttcc gggccactg cgcgcgcgg accgcctcg gctcgacgg cgggtgtccc 360

cggcgccgcg ctgcgccgga tcggccgcgg cttcggcgcc tggggctcg ggctccgggg 420

25

aggcgtcgc cgcgatgct gctctccaag ttcggtccc tggcgacacct ctgcggccccc 480

ggccgcgtgg accacctccc ggtgaagatc ctgcagccag ccaaggcggaa caaggagagc 540

30

ttcgagaagg cgtaccaggt gggccgcgtg ctgggtagcg gcggcttcgg cacgtctac 600

	gcgggttagcc gcatcgccga cgggatcccc gtggctgtga agcacgttgt gaaggagcgg	660
	gtgaccgagt ggggcagcct gggcggcgcg accgtcccc tggaggttgt gctgctgcgc	720
5	aagggtggcgcg cggcggcggc gcgcgcgcgc gtcatccgc tgcgtggactg gttcggcgg	780
	cccgacggct tcctgcttgt gctggagcgg cccgagccgg cgcaaggacct cttcgacttt	840
10	atcacggagc gcggcgcctt ggacgagccg ctggcgcgc gtttcttgc gcaggtgctg	900
	gccgcccgtgc gccactgcca cagctgcggg gtcgtgcacc gcgacattaa ggacgaaaat	960
	ctgcttgtgg acctgcgctc cggagagctc aagctcatcg acttcggttc gggtgcgctg	1020
15	ctcaaggaca cggtctacac cgacttcgac ggcacccgag tgtacagccc cccggagtgg	1080
	atccgctacc accgctacca cgggcgctcg gccaccgtgt ggtogctggg cgtgcttctc	1140
20	tacgatatgg tgtgtgggaa catccccttc gagcaggacg aggagatctt ccgaggccgc	1200
	ctgctttcc ggaggaggggt ctctccagag tgccagcagc tgcgtgggt gtgcctgtcc	1260
	ctgccccct cagagcggcc gtcgctggat cagattcggg cccatccctg gatgtgggg	1320
25	gctgacgggg gogccccgga gagctgtgac ctgcggctgt gcaccctoga ccctgatgac	1380
	gtggccagca ccacgtccag cagcgagac ttgtgaggag ctgcacactga ctggagacta	1440
30	ggggaccacc tgccttggcc agacctggga cggcccccaga ccctgacttt ttccctgcgtg	1500

	ggccgtctcc	tcctgcggaa	gcagtgaccc	ctgaccctcg	gtgacccctcg	ctttgagtgc	1560
5	cffffgaacg	ctggtcccgc	gggacttggt	tttctcaagc	tctgtctgtc	caaagacgct	1620
	ccgggtcgagg	tcccgctgc	cctgggtgga	tacttgaacc	ccagacgccc	ctctgtgctg	1680
	ctgtgtccgg	aggcggcctt	cccatctgcc	tgcccacccg	gagcttttc	cgccggcgca	1740
10	gggtcccaag	cccacccccc	gccctcagtc	ctgcggtgtg	cgtctggca	cgtcctgcac	1800
	acacaatgca	agtccctggcc	tccgcgcccc	cccgccccacg	cgagccgtac	ccgcgcgcaa	1860
	ctctgttatt	tatggtgtga	ccccctggag	gtgcctcg	cccacccgggg	ctatttattg	1920
15	ttaatttat	ttgttgaggt	tatttctct	gagcagtctg	cctctccaa	gccccagggg	1980
	acagtgggga	ggcaggggag	gggggtggctg	ttgtccaggg	accccaggcc	ctgattcctg	2040
20	tgcctggcgt	ctgtcctggc	cccgccctgtc	agaagatgaa	catgtatagt	ggctaactta	2100
	aggggagtgg	gtgaccctga	cactccagg	cactgtgcc	agggtttggg	ttttaaattta	2160
	ttgactttgt	acagtctgct	tgtggctct	gaaagctggg	gtggggccag	agcctgagcg	2220
25	ttaatttat	tcagtagctg	tgtttgtgt	aatgcgggt	gtgcaggcat	cgcagatggg	2280
	ggttcttca	gttcaaaaagt	gagatgtctg	gagatcatat	ttttttatac	aggtatttca	2340
30	attaaaaatgt	ttttgtacat	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aa	2392

<210> 3

<211> 28

5 <212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Pim-3 sense primer

10

<400> 3

aagcagtgac ctctgacccc tggtgacc

28

15 <210> 4

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial sequence

20 <220>

<223> Pim-3 antisense primer

<400> 4

cagcggaacc gtcattgcc aatgg

25

25

<210> 5

<211> 20

<212> DNA

30 <213> Artificial sequence

<220>

<223> GAPDH sense prime

5 <400> 5

accacagttcc atgccccatcac

20

<210> 6

10 <211> 20

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

15 <223> GAPDH antisense primer

<400> 6

tccaccaccc tgggttgctgtta

20

20

<210> 7

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial sequence

25

<220>

<223> Probe used in first screening of hPim-3

<400> 7

30 ctgtgaagca cgtgggtgaag

20

<210> 8

<211> 19

5 <212> PRT

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Epitope used in the production of antibody to hPim-3 polypeptide

10

<400> 8

Cys Gly Pro Gly Gly Val Asp His Leu Pro Val Lys Ile Leu Gln Pro

1

5

10

15

Ala Lys Ala

15

<210> 9

20 <211> 21

<212> DNA

<213> Artificial sequence

<220>

25 <223> Targeted mRNA

<400> 9

gcacgtggtg aaggagcgcg g

21

30

<210> 10

<211> 21

<212> RNA

<213> Artificial sequence

5

<220>

<223> siRNA in example 9

<400> 10

10 ccgcgcuccu ucaccacgug c

21

<210> 11

<211> 19

15 <212> RNA

<213> Artificial sequence

<220>

<223> Random RNA fragment

20

<400> 11

gcgcgcuuug uaggauucg

19

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011669

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

Int.C1' C12N15/09, C07K14/82, C12P21/08, C07K16/32, C12N15/12, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12P21/02, C12Q1/68, A61K31/7088, A61K48/00, A61P35/00, G01N33/574

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

Int.C1' C12N15/09, C07K14/82, C12P21/08, C07K16/32, C12N15/12, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12P21/02, C12Q1/68, A61K31/7088, A61K48/00, A61P35/00, G01N33/574

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

BIOSIS/WPI (DIALOG), MEDLINE (STN), JSTPlus/JST7580 (JOIS), SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X/ Y/ A	US 6383791 B1 (Millenium Pharmaceuticals, Inc.), 07 May, 2002 (07.05.02), (Family: none)	1-9, 11-23/ 24-33/ 10, 34-37
X/ Y/ A	US 6143540 A (Millenium Pharmaceuticals, Inc.), 07 November, 2000 (07.11.00), (Family: none)	1-9, 11-23/ 24-33/ 10, 34-37
X/ Y/ A	US 2002/0115120 A1 (Millenium Pharmaceuticals, Inc.), 22 August, 2002 (22.08.02), & WO 03/029434 A2 & EP 1432448 A2	1-9, 11-23/ 24-33/ 10, 34-37

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

27 August, 2004 (27.08.04)

Date of mailing of the international search report

14 September, 2004 (14.09.04)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/011669

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X/ Y/ A	WO 03/060130 A2 (Aventis Pharma Deutschland GMBH), 24 July, 2003 (24.07.03), & US 2004/0038246 A1 & AU 2003202579 A1	1-9, 11-23/ 24-33/ 10, 34-37
Y	Elbashir S.M. et al., Analysis of gene function in somatic mammalian cells using small interfering RNAs, Methods, 2002, Vol.26, No.2, pages 199 to 213	24-33

A. 発明の属する分野の分類(国際特許分類(IPC))

Int.C17 C12N15/09, C07K14/82, C12P21/08, C07K16/32, C12N15/12, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12P21/02, C12Q1/68, A61K31/7088, A61K48/00, A61P35/00, G01N33/574

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料(国際特許分類(IPC))

Int.C17 C12N15/09, C07K14/82, C12P21/08, C07K16/32, C12N15/12, C12N1/15, C12N1/19, C12N1/21, C12N5/10, C12P21/02, C12Q1/68, A61K31/7088, A61K48/00, A61P35/00, G01N33/574

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース(データベースの名称、調査に使用した用語)

BIOSIS/WPI(DIALOG), MEDLINE(STN), JSTPlus/JST7580(JOIS), SwissProt/PIR/GeneSeq, GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X/Y/A	US 6383791 B1 (Millenium Pharmaceuticals, Inc.) 2002.05.07 (ファミリー無し)	1-9, 11-23/24 -33/10, 34-37
X/Y/A	US 6143540 A (Millenium Pharmaceuticals, Inc.) 2000.11.07 (ファミリー無し)	1-9, 11-23/24 -33/10, 34-37
X/Y/A	US 2002/0115120 A1 (Millenium Pharmaceuticals, Inc.) 2002.08.22 & WO 03/029434 A2 & EP 1432448 A2	1-9, 11-23/24 -33/10, 34-37

C欄の続きにも文献が列挙されている。

パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

- 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの
- 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの
- 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献(理由を付す)
- 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献
- 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

- 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの
- 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの
- 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの
- 「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

27.08.2004

国際調査報告の発送日

14.9.2004

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号 100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官(権限のある職員)

七條 里美

4B 2936

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C (続き) 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X/Y/A	WO 03/060130 A2 (Aventis Pharma Deutschland GMBH) 2003.07.24 & US 2004/0038246 A1 & AU 2003202579 A1	1-9, 11-23/24 -33/10, 34-37
Y	Elbashir S.M. et. al., Analysis of gene function in somatic mammalian cells using small interfering RNAs, Methods, 2002, Vol. 26, No. 2, pp. 199-213	24-33